

CHARLES UNIVERSITY IN PRAGUE, FACULTY OF SCIENCE
DEPARTMENT OF ZOOLOGY
UNIVERZITA KARLOVA V PRAZE, PŘÍRODOVĚDECKÁ FAKULTA
KATEDRA ZOOLOGIE

Ph.D. study programme: Zoology
Doktorský studijní program: Zoologie

Summary of the Ph.D. Thesis
Autoreferát disertační práce



**Phylogeny of selected African bat species based on the
cytogenetic and molecular approaches**
**Fylogeneze vybraných druhů letounů Afriky na základě
cytogenetického a molekulárního přístupu**

RNDr. Darina Koubínová

Supervisor/Školitel: prof. RNDr. Jan Zima, DrSc.

Prague, 2013
Praha, 2013

Supervisor/Školitel: Prof. RNDr. Jan Zima, DrSc. (Institute of Vertebrate Biology, Academy of Sciences, Czech Republic/Ústav biologie obratlovců Akademie věd České republiky)

Koubínová, D, 2013. Phylogeny of selected African bat species based on the cytogenetic and molecular approaches. Ph.D. Thesis. Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University in Prague, Prague. 127 pp.

Keywords: phylogenetics, systematics, DNA, karyotype, western Africa, Hipposideridae, Rhinolophidae, Vespertilionidae, Molossidae

Koubínová, D, 2013. Fylogeneze vybraných druhů letounů Afriky na základě cytogenetického a molekulárního přístupu. Disertační práce. Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze, Praha. 127 str.

Klíčová slova: fylogenetika, systematika, DNA, karyotyp, západní Afrika, Hipposideridae, Rhinolophidae, Vespertilionidae, Molossidae

ABSTRACT

Phylogenetic relationships of a sample comprising 248 bats belonging to 19 species and four families (Hipposideridae, Rhinolophidae, Molossidae and Vespertilionidae) from Senegal (Western Africa) were investigated with the use of multi-locus sequence data and non-differentially stained chromosomes.

The karyotypes of *Hipposideros ruber*, *H. tephros*, *H. jonesi* and *H. cyclops* were described for the first time. The standard *Hipposideros* formula was recorded in *H. tephros*, *H. jonesi* and *H. ruber* ($2n = 32$, $FN_a = 60$, $FN = 64$). The karyotypes of *H. cyclops* ($2n = 36$, $FN = 66$) and *H. gigas* ($2n = 52$, $FN = 64$) substantially diverged from this typical chromosomal complement.

Rhinolophus landeri and *R. fumigatus* shared the same diploid number ($2n = 58$), but differed in the chromosome morphology (*R. fumigatus* – $FN_a = 60$, $FN = 64$; *R. landeri* – $FN_a = 64$, $FN = 68$). *Rhinolophus landeri* was found karyotypically distinct to other African populations, thus signalling a possible presence of cryptic forms within this species.

The karyotypes of *Chaerephon pumilus* and *Mops condylurus* had a $2n = 48$, $FN = 54$ and were similar to other previously studied species of this chromosomally conservative family.

Chromosomal, Bayesian, maximum likelihood and genetic distance analyses revealed an indication for the existence of cryptic forms among five out of ten examined species of the West African vespertilionid bats – *Pipistrellus hesperidus*, *Neoromicia nana*, *N. somalica*, *Scotoecus hirundo* and *Nycticeinops schlieffenii*. Additionally, based on the analyses of eight mitochondrial and nuclear genes and combination of the Senegalese bats and GenBank data, *Glischropus tylopus* was found basal to the clade of the East Asian pipistrelles and *Pipistrellus rueppellii* was basal to the whole *Pipistrellus*/*Nyctalus* clade, possibly deserving its own genus. *Eptesicus* was confirmed to be polyphyletic, with *E. nasutus* and *E. dimissus* being phylogenetically distinct to other representatives of *Eptesicus*. *Neoromicia* was confirmed to be diphyletic and Scotophilini appeared as the second most basal branch of all vespertilionids. The tribes Pipistrellini and Vespertilionini were defined differently than in recent discussions.

The detection of cryptic taxa, description of new karyotypes and proposals for new systematic arrangements demonstrate that our knowledge of (West-African) Chiroptera is still incomplete and that an investigation conducted on a small area can reveal new important findings, which can considerably contribute to our understanding of both biogeography and phylogeny.

ABSTRAKT

Fylogenetické vztahy byly zkoumány ve vzorku obsahujícím 248 netopýrů patřících do 19 druhů a čtyř čeledí (Hipposideridae, Rhinolophidae, Molossidae a Vespertilionidae) ze Senegalu (západní Afriky) s použitím multilokusových sekvenčních dat a nediferenciálně obarvených chromosomů.

Karyotypy *Hipposideros ruber*, *H. tephros*, *H. jonesi* a *H. cyclops* byly popsány poprvé. Standardní formule rodu *Hipposideros* byla zaznamenána u *H. tephros*, *H. jonesi* a *H. ruber* ($2n = 32$, $FN_a = 60$, $FN = 64$). Karyotypy *H. cyclops* ($2n = 36$, $FN = 66$) a *H. gigas* ($2n = 52$, $FN = 64$) se nápadně lišily od této typické chromosomální sady.

Rhinolophus landeri a *R. fumigatus* měli shodný diploidní počet chromosomů ($2n = 58$), ale lišili se jejich morfologií (*R. fumigatus* – $FN_a = 60$, $FN = 64$; *R. landeri* – $FN_a = 64$, $FN = 68$). *Rhinolophus landeri* se karyotypově odlišoval od ostatních afrických populací, což může signalizovat přítomnost kryptických forem v rámci tohoto druhu.

Karyotypy *Chaerephon pumilus* a *Mops condylurus* obsahovaly 48 chromosomů ($FN = 54$), což odpovídá standardní sadě nalézané u příslušníků této čeledi.

Chromosomy, Bayesiánské metody, maximální pravděpodobnost a analýza genetických distancí naznačily existenci kryptických forem u pěti z deseti vyšetřených druhů západoafrických vespertilionidních netopýrů – *Pipistrellus hesperidus*, *Neoromicia nana*, *N. somalica*, *Scotoecus hirundo* a *Nycticeinops schlieffenii*. Na základě analýz osmi mitochondriálních a jaderných genů a kombinace sekvencí senegalských netopýrů s daty z genové banky (GenBank) bylo dále zjištěno, že *Glischropus tylopus* je bazální v kladu východoasijských pipistrelů a *Pipistrellus rueppellii* je bazální v celém kladu rodů *Pipistrellus*/*Nyctalus* a pravděpodobně zasluhuje oddělení do vlastního rodu. Byla potvrzena polyfilie rodu *Eptesicus*, přičemž *E. nasutus* a *E. dimissus* byli fylogeneticky odlišní od dalších zástupců rodu *Eptesicus*. Dále byla potvrzena difylie rodu *Neoromicia* a tribus Scotophilini byl druhou nejbazálnější skupinou všech vespertilionidů. Triby Pipistrellini a Vespertilionini byly definovány odlišně od nedávných zjištění.

Detekce kryptických taxonů, popis nových karyotypů a návrhy na nové systematické uspořádání ukazují, že naše znalosti (západoafrických) letounů jsou stále neúplné a že šetření provedené na malém území je schopno odhalit nové důležité poznatky, které mohou výrazně přispět k našemu chápání biogeografie a fylogeneze.

Introduction

Current systematics and phylogenies of all kinds of organisms are still largely based on morphological characters and partially on cytogenetics. However, the recent expansion of molecular techniques revealed that many traditionally recognised groups are artificial, defined on the bases of convergent traits. Nevertheless, all three approaches have their limitations, especially when inexpertly used, and therefore combination of several methods (morphology, cytogenetics, ecology, nuclear and mitochondrial sequences) is desirable for correct reconstruction of the evolutionary relationships.

The plethora of extant species and frequent occurrence of morphologically undistinguishable forms, make Chiroptera one of the most complicated orders among mammals from the phylogenetic and systematic point of view (Simmons, 2005). However, closely related, phenotypically similar species can differ with respect to their genetics and *vice versa* (Baratt *et al.*, 1997). The application of molecular methods in chiropterology revealed many cryptic taxa in different regions of the world and changed numerous traditional phylogenetic hypotheses (e.g. Ibáñez *et al.*, 2006; Reardon *et al.*, 2008; Kruskop *et al.*, 2012). The number of ecological niches available in the tropics and subtropics of Africa evokes presumptions of existence of yet undetected species diversity and of evolution of high number of cryptic species.

The sub-Saharan region of Western Africa belongs to one of the most under-explored areas of the continent. It is currently being threatened by deforestation, fragmentation of wooded savannah and desertification. Investigation of the local bat fauna is thus important not only for our understanding of general principles of ecology, evolution, biogeography, but also even for potential conservation of endangered species.

Aims of the study

The aims of the dissertation thesis were to examine phylogenetic relationships of selected African bats with cytogenetic and molecular approaches, focused on species obtained in Senegal, West Africa. Specific objective was to investigate non-differentially stained karyotypes in specimens belonging to the families Hipposideridae, Rhinolophidae and Molossidae and compare the results with related species and other African populations. The other main task was to reconstruct the phylogenetic relationships within the

representatives of the family Vespertilionidae, with the use of combined cytogenetic and molecular data, to assess genetic divergence of the Senegalese species to other geographically distant African populations, and potentially to uncover cryptic taxa. The dissertation represents a part of a bigger project “Species diversity and ecology of selected West African vertebrates” focused on the fauna of the Niokolo-Koba National Park in Senegal and funded by the Grant Agency of the Academy of Sciences of the CR.

Material and methods

The tasks of the thesis were solved by two approaches, cytogenetic and molecular. The first one included analyses of standard non-differential Giemsa stained karyotypes and the latter involved examination of eight mitochondrial and nuclear genes. Phylogenetic analyses of own and GenBank data were performed using the Bayesian methods and maximum likelihood. Altogether 248 bats (16 hipposiderid, 2 rhinolophid, 17 molossid and 213 vespertilionid specimens) originating mainly from Niokolo-Koba (Senegal, West Africa) were analysed.

Results and discussion

The thesis is based on three scientific works (two published papers and one submitted manuscript), which represent solving of the aims described above.

Karyotypic data were obtained in 15 species and the standard description of chromosomal number (diploid number of chromosomes – $2n$) and morphology (number of autosomal arms – FN_a , number of chromosomal arms – FN) was performed.

Differences between chromosomal complements of the bat populations from Senegal and other regions of Africa were found in four vespertilionid (*Neoromicia somalica*, *N. nana*, *Scotoecus hirundo*, *Pipistrellus hesperidus*) and one rhinolophid (*Rhinolophus landeri*) species.

The karyotypes of four species belonging to the family Hipposideridae (*Hipposideros ruber*, *H. tephros*, *H. jonesi* and *H. cyclops*) were described for the first time. *H. ruber*, *H. tephros* and *H. jonesi* had the typical *Hipposideros* karyotype ($2n = 32$, $FN_a = 60$, $FN = 64$). Variations to this conservative complement were found in *H. cyclops* ($2n = 36$, $FN = 66$) and *H. gigas* ($2n = 52$, $FN = 64$). These cytogenetic findings as well as

the recent molecular results (Vallo *et al.*, 2008; Taylor *et al.*, 2012) suggest separation of *H. cyclops* and *H. gigas* to a distinct genus. Furthermore, *H. gigas* from West Africa and south African *H. vittatus*, which share the unusual 2n of 52, should be possibly classified within a single species.

The karyotypes of *R. fumigatus* and *R. landeri* from Senegal were similar to previous findings (Rautenbach, 1986); however, *R. landeri* differed karyotypically from its conspecifics by the presence of two additional pairs of bi-armed autosomes, thus indicating the existence of cryptic forms within this species.

Mops condylurus and *Chaerephon pumilus* (2n = 48; FNa = about 54) were karyotypically similar to other various species of this chromosomally conservative family (Rautenbach *et al.*, 1993).

Neoromicia rendalli and *Nycticeinops schlieffenii* had complements similar to the previous findings (Ruedas *et al.*, 1990; Kearney *et al.*, 2002). However, *Neoromicia somalica*, *N. nana*, *Scotoecus hirundo* and *Pipistrellus hesperidus* were found karyotypically distinct from their conspecifics (Rautenbach *et al.*, 1993; Volleth *et al.*, 2006). The possible separate taxonomic status of the populations examined was consequently supported also with genetic distances.

The combined analyses of the eight mitochondrial and nuclear genes of the Senegalese specimens with GenBank data revealed *Pipistrellus rueppellii* as the basal lineage of the *Pipistrellus/Nyctalus* clade and as probably deserving a separation to a distinct genus. Additionally, *Neoromicia* was confirmed to be diphyletic.

Further support was gained for previously unresolved phylogenetic positions using data obtained from GenBank. *Eptesicus* was confirmed to be polyphyletic, with *E. nasutus* and *E. dimissus* being distinct to the rest of this genus. The tribe Scotophilini represented the second most basal group of all vespertilionids and the tribes Pipistrellini and Vespertilionini were defined differently than in other recent studies (Roehrs *et al.*, 2010, 2011). *Glischropus tylopus* nested within the *Pipistrellus/Nyctalus* group, forming a basal branch to the (East) Asian group of pipistrelles.

Conclusions

The results from West Africa show that even examination of populations on a relatively small area can reveal interesting and novel findings, including cryptic taxa,

intrageneric and intraspecific karyotype variations and changes in phylogenetic relationships. The detection of one rhinolophid and five vespertilionid cryptic taxa, which belong to separate phylogenetic clades, indicates a long isolation from other African populations and imply high probability of findings of more uncovered cryptic taxa in this region.

This study provides further support that karyotypic data are useful, independent and simple phylogenetic markers to identify cryptic species or divergent clades.

New taxa and suggestions for systematic rearrangements based on the molecular and cytogenetic approaches demonstrate that morphologically similar species that occur in Africa are in many cases a result of convergent evolution, because in reality they belong to phylogenetically distant groups. This demonstrates that there are still many detail issues waiting to be uncovered in (African) Chiroptera.

References

- Barratt, EM, Deaville, R, Burland, TM, Bruford, MW, Jones, G, Racey, PA, Wayne, RK, 1997. DNA answers the call of pipistrelle bat species. *Nature*, 387:138–139.
- Ibáñez, C, García-Mudarra, JL, Ruedi, M, Stadelmann, B, Juste, J, 2006. The Iberian contribution to the cryptic diversity in European bats. *Acta Chiropterol*, 8:277–297.
- Kearney, TC, Volleth, M, Contrafatto, G, Taylor, PJ, 2002. Systematic implications of chromosome GTG-band and bacula morphology for Southern African *Eptesicus* and *Pipistrellus* and several other species of Vespertilioninae (Chiroptera: Vespertilionidae). *Acta Chiropterol*, 4:55–76.
- Kruskop, SV, Borisenko, AV, Ivanova, NV, Lim, BK, Eger, JL, 2012. Genetic diversity of Northeastern Palaearctic bats as revealed by DNA barcodes. *Acta Chiropterol*, 14:1–14.
- Roehrs, ZP, Lack, JB, Van Den Bussche, RA, 2010. Tribal phylogenetic relationships within Vespertilioninae (Chiroptera: Vespertilionidae) based on mitochondrial and nuclear sequence data. *J Mammal*, 91:1073–1092.
- Roehrs, ZP, Lack, JB, Van Den Bussche, RA, 2011. A molecular phylogenetic reevaluation of the tribe Nycticeiini (Chiroptera: Vespertilionidae). *Acta Chiropterol*, 13:17–31.
- Rautenbach, IL, Bronner, GN, Schlitter, DA, 1993. Karyotypic data and attendant systematic implications for the bats of southern Africa. *Koedoe*, 36:87–104.

- Rautenbach, IL, Fenton, MB, 1992. Bats from Mana Pools National Park in Zimbabwe and the first record of *Eptesicus rendalli* from the country. *Z Säugetierkd*, 57:112–115.
- Reardon, T, Adams, M, McKenzie, N, Jenkins, P, 2008: A new species of Australian freetail bat *Mormopterus eleryi* sp. nov. (Chiroptera: Molossidae) and a taxonomic reappraisal of *M. norfolkensis* (Gray). *Zootaxa*, 1875:1-31.
- Ruedas, LA, Lee, Jr, TE, Bickham, JW, Schlitter, DA, 1990. Chromosomes of five species of vespertilionid bats from Africa. *J Mammal*, 71:94–100.
- Simmons, NB, 2005. Order Chiroptera. In: Wilson, DE, Reeder, DM (eds), *Mammal species of the World: A taxonomic and geographic reference*. The Johns Hopkins University Press – Baltimore.
- Taylor, PJ, Stoffberg, S, Monadjem, A, Schoeman, MC, Bayliss, J, Cotterill, FPD, 2012. Four new bat species (*Rhinolophus hildebrandtii* complex) reflect Plio-Pleistocene divergence of dwarfs and giants across an Afromontane Archipelago. *PLoS ONE* 7:e41744.
- Vallo, P, Guillen-Servent, A, Benda, P, Pires, DB, Koubek, P, 2008. Variation of mitochondrial DNA in the *Hipposideros caffer* complex (Chiroptera: Hipposideridae) and its taxonomic implications. *Acta Chiropterol*, 10:193–206.
- Volleth, M, Heller, K-G, Fahr, J, 2006. Phylogenetic relationships of three “Nycticeiini” genera (Vespertilionidae, Chiroptera, Mammalia) as revealed by karyological analyses. *Mamm Biol*, 71:1–12.

Úvod

Systematika a fylogeneze nejrozličnějších druhů organismů jsou stále do značné míry založeny na morfologii a částečně také na cytogenetice. Současné rozsáhlé používání molekulárních technik odhalilo, že mnohé tradičně rozlišované skupiny jsou umělé, definované na základě konvergentních znaků. Nicméně všechny tři přístupy mají svá omezení, zejména pokud jsou používány bez dostatečných zkušeností a tudíž je pro správnou rekonstrukci evolučních vztahů žádoucí kombinace několika metod (morfologie, cytogenetiky, ekologie, jaderných a mitochondriálních sekvencí).

Velké množství současných druhů a častý výskyt morfologicky nerozlišitelných forem činí z letounů jeden z nejsložitějších řádů mezi savci z fylogenetického i systematického úhlu pohledu (Simmons, 2005). Nicméně blízké příbuzné, fenotypově podobné druhy se mohou lišit geneticky a naopak (Baratt *et al.*, 1997). Aplikace molekulárních metod v chiropterologii odhalila mnoho kryptických taxonů v nejrozličnějších oblastech světa a změnila řadu tradičních fylogenetických hypotéz (například Ibáñez *et al.*, 2006; Reardon *et al.*, 2008; Kruskop *et al.*, 2012). Počet existujících ekologických nik v afrických tropech a subtropích evokuje předpoklady existence dosud nezjištěné druhové rozmanitosti a evoluce velkého počtu kryptických druhů.

Subsaharská oblast západní Afriky patří k jednomu z nejméně prozkoumaných oblastí kontinentu. V současné době je ohrožena odlesňováním, fragmentací stromové savany a desertifikací. Výzkum tamní netopýří fauny je tedy důležitý nejen pro naše chápání obecných principů ekologie, evoluce, biogeografie, ale také pro případnou ochranu ohrožených druhů.

Cíle práce

Cílem disertační práce bylo prozkoumat fylogenetické vztahy vybraných afrických netopýřů s využitím cytogenetických a molekulárních přístupů, se zaměřením na druhy získané v Senegalu, západní Africe. Konkrétním záměrem bylo vyšetření nediferenciálně obarvených karyotypů jedinců patřících do čeledí Hipposideridae, Rhinolophidae a Molossidae a porovnat výsledky s příbuznými druhy a jinými africkými populacemi. Dalším hlavním úkolem byla rekonstrukce fylogenetických vztahů v rámci čeledi Vespertilionidae, s využitím kombinace cytogenetických a molekulárních dat, porovnání

genetických divergencí vybraných senegalských druhů od jiných geograficky vzdálených afrických populací a případně detekce kryptických taxonů. Disertace představuje část většího projektu "Druhová diversita a ekologie vybraných západoafrických obratlovců" (se zaměřením na faunu senegalského národního parku Niokolo-Koba), který byl podporován Grantovou agenturou AV ČR.

Materiál a metodika

K dosažení cílů disertace bylo využito dvou přístupů, cytogenetického a molekulárního. První z nich zahrnoval vyšetření nediferenciálních konvenčních karyotypů obarvených Giemsou a druhý analýzu osmi mitochondriálních a jaderných genů. Fylogenetické výpočty s využitím vlastních dat a údajů z genové banky (GenBank) byly provedeny pomocí Bayesiánských metod a maximální pravděpodobnosti. Celkem bylo analyzováno 248 netopýrů (Hipposideridae – 16, Rhinolophidae – 2, Molossidae – 17 a Vespertilionidae – 213 jedinců) pocházejících převážně z Niokolo-Koba (Senegal, západní Afrika).

Výsledky a diskuse

Disertace je založena na třech vědeckých článcích (dvou publikovaných a jednom zaslaném rukopisu), které představují řešení cílů popsaných výše.

Údaje o karyotypech byly získány u 15 druhů a byl proveden standardní popis počtu chromosomů (diploidní počet chromosomů – $2n$) a morfologie (počet autosomálních ramen – FNa, počet chromosomálních ramen – FN).

Rozdíly mezi chromosomálními sadami populací netopýrů ze Senegalu a dalších oblastí Afriky byly nalezeny u čtyř vespertilionidů (*Neoromicia somalica*, *N. nana*, *Scotoecus hirundo*, *Pipistrellus hesperidus*) a jednoho rhinolophida (*Rhinolophus landeri*).

Karyotypy čtyř druhů patřících do čeledi Hipposideridae (*Hipposideros ruber*, *H. tephros*, *H. jonesi* a *H. cyclops*) byly popsány poprvé. *H. ruber*, *H. tephros* a *H. jonesi* měli karyotyp typický pro rod *Hipposideros* ($2n = 32$, FNa = 60, FN = 64). Rozdíly od této konzervativní sady byly nalezeny u *H. cyclops* ($2n = 36$, FN = 66) a *H. gigas* ($2n = 52$, FN = 64). Tato cytogenetická zjištění, stejně jako nedávno publikované molekulární výsledky (Vallo *et al.*, 2008; Taylor *et al.*, 2012) naznačují, že by druhy *H. cyclops* a *H. gigas* mohly

být odděleny do samostatného rodu. *Hipposideros gigas* ze západní a *H. vittatus* z jižní Afriky by měli být zařazeni do jediného druhu, jelikož sdílí neobvyklý karyotyp ($2n = 52$).

Karyotypy *R. fumigatus* a *R. landeri* ze Senegalu byly obdobné jako v předchozích případech (Rautenbach, 1986). Avšak karyotyp *R. landeri* se lišil od jedinců patřících do stejného druhu přítomností dvou dalších párů dvouramenných autosomů, což naznačuje existenci kryptických forem v rámci tohoto druhu.

Mops condylurus a *Chaerephon pumilus* ($2n = 48$; FNa = cca 54) se karyologicky nelišili od jiných druhů této karyotypově konzervativní čeledi (Rautenbach *et al.*, 1993).

Druhy *Neoromicia rendalli* a *Nycticeinops schlieffenii* měly sady podobné předchozím zjištěním (Ruedas *et al.*, 1990; Kearney *et al.*, 2002). Avšak *Neoromicia somalica*, *N. nana*, *Scotoecus hirundo* a *Pipistrellus hesperidus* byli natolik karyotypově odlišní od příslušníků stejného druhu (Rautenbach *et al.*, 1993; Volleth *et al.*, 2006), že by mohli být považováni za kryptické taxony, což bylo následně podpořeno také zjištěnými genetickými distancemi.

Kombinovaná analýza osmi mitochondriálních a jaderných genů senegalských jedinců s údaji z genové banky (GenBank) odhalila, že *Pipistrellus rueppellii* je bazální ke kladu *Pipistrellus/Nyctalus* a pravděpodobně i zasluhuje oddělení do samostatného rodu. Dále byla potvrzena difylie rodu *Neoromicia*.

S pomocí dat získaných z genové banky (GenBank) byly navrženy některé dříve nevyřešené topologie fylogenetické divergence. Byla potvrzena polyfilie rodu *Eptesicus*, přičemž *E. nasutus* a *E. dimissus* se vyčlenili od zbylých zástupců tohoto rodu. Tribus Scotophilini tvořil druhou nejbazálnější skupinu všech vespertilionidů a triby Pipistrellini a Vespertilionini byly definovány odlišně od zjištění z jiných nedávných studií (Roehrs *et al.*, 2010, 2011). *Glischropus tylopus* byl zařazen do skupiny *Pipistrellus/Nyctalus*, jakožto bazální linie k (východo)asijské skupině pipistrellů.

Závěry

Výsledky ze západní Afriky ukazují, že i vyšetření populací na relativně malém území může odhalit zajímavé a nové poznatky, včetně kryptických taxonů, nových nebo odlišných karyotypů v rámci rodů nebo druhů a pochopení fylogenetických vztahů. Nález jednoho kryptického taxonu v čeledi Rhinolophidae a dalších pěti, které patří do oddělených fylogenetických linií v rámci čeledi Vespertilionidae, indikuje jejich dlouhou

izolaci od ostatních afrických populací a naznačuje vysokou pravděpodobnost existence dalších zatím neodhalených kryptických taxonů v této oblasti.

Rovněž bylo znovu potvrzeno, že karyotypové údaje mohou být užitečnými, nezávislými a jednoduchými fylogenetickými znaky, sloužícími k identifikaci kryptických druhů nebo divergentních kladů.

Podněty k ustanovení nových taxonů a k systematickým změnám založeným na molekulárních a cytogenetických poznatcích ukazují, že morfologicky podobné druhy, které se vyskytují v Africe, jsou v mnoha případech výsledkem konvergentního vývoje, neboť tyto druhy ve skutečnosti patří k fylogeneticky vzdáleným skupinám. Je zřejmé, že u (afrických) letounů stále existuje velký prostor pro nové objevy a upřesňování dosavadních znalostí.

Použitá literatura

- Barratt, EM, Deaville, R, Burland, TM, Bruford, MW, Jones, G, Racey, PA, Wayne, RK, 1997. DNA answers the call of pipistrelle bat species. *Nature*, 387:138–139.
- Ibáñez, C, García-Mudarra, JL, Ruedi, M, Stadelmann, B, Juste, J, 2006. The Iberian contribution to the cryptic diversity in European bats. *Acta Chiropterol*, 8:277–297.
- Kearney, TC, Volleth, M, Contrafatto, G, Taylor, PJ, 2002. Systematic implications of chromosome GTG-band and bacula morphology for Southern African *Eptesicus* and *Pipistrellus* and several other species of Vespertilioninae (Chiroptera: Vespertilionidae). *Acta Chiropterol*, 4:55–76.
- Kruskop, SV, Borisenko, AV, Ivanova, NV, Lim, BK, Eger, JL, 2012. Genetic diversity of Northeastern Palaearctic bats as revealed by DNA barcodes. *Acta Chiropterol*, 14: 1–14.
- Roehrs, ZP, Lack, JB, Van Den Bussche, RA, 2010. Tribal phylogenetic relationships within Vespertilioninae (Chiroptera: Vespertilionidae) based on mitochondrial and nuclear sequence data. *J Mammal*, 91:1073–1092.
- Roehrs, ZP, Lack, JB, Van Den Bussche, RA, 2011. A molecular phylogenetic reevaluation of the tribe Nycticeiini (Chiroptera: Vespertilionidae). *Acta Chiropterol*, 13:17–31.
- Rautenbach, IL, Bronner, GN, Schlitter, DA, 1993. Karyotypic data and attendant systematic implications for the bats of southern Africa. *Koedoe*, 36:87–104.

- Rautenbach, IL, Fenton, MB, 1992. Bats from Mana Pools National Park in Zimbabwe and the first record of *Eptesicus rendalli* from the country. *Z Säugetierkd*, 57:112–115.
- Reardon, T, Adams, M, McKenzie, N, Jenkins, P, 2008: A new species of Australian freetail bat *Mormopterus eleryi* sp. nov. (Chiroptera: Molossidae) and a taxonomic reappraisal of *M. norfolkensis* (Gray). *Zootaxa*, 1875:1-31.
- Ruedas, LA, Lee, Jr, TE, Bickham, JW, Schlitter, DA, 1990. Chromosomes of five species of vespertilionid bats from Africa. *J Mammal*, 71:94–100.
- Simmons, NB, 2005. Order Chiroptera. In: Wilson, DE, Reeder, DM (eds), *Mammal species of the World: A taxonomic and geographic reference*. The Johns Hopkins University Press – Baltimore.
- Taylor, PJ, Stoffberg, S, Monadjem, A, Schoeman, MC, Bayliss, J, Cotterill, FPD, 2012. Four new bat species (*Rhinolophus hildebrandtii* complex) reflect Plio-Pleistocene divergence of dwarfs and giants across an Afromontane Archipelago. *PLoS ONE* 7:e41744.
- Vallo, P, Guillen-Servent, A, Benda, P, Pires, DB, Koubek, P, 2008. Variation of mitochondrial DNA in the *Hipposideros caffer* complex (Chiroptera: Hipposideridae) and its taxonomic implications. *Acta Chiropterol*, 10:193–206.
- Volleth, M, Heller, K-G, Fahr, J, 2006. Phylogenetic relationships of three “Nycticeiini” genera (Vespertilionidae, Chiroptera, Mammalia) as revealed by karyological analyses. *Mamm Biol*, 71:1–12.

Curriculum vitae/Životopis

Born/Narozena: 19th June 1982, Roudnice nad Labem, Czech Republic
19. června 1982, v Roudnici nad Labem, Česká republika

Education/Vzdělání:

since 2007/od 2007	Ph.D. study, Department of Zoology, Charles University in Prague, Faculty of Science postgraduální studium, katedra zoologie, Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta
2008	obtained the RNDr. degree udělen titul RNDr.
2002 – 2007	MSc. study, specialisation Genetics of Free-living Animals, Department of Zoology, Charles University in Prague Faculty of Science (topic of the thesis – Karyotypes of certain small mammals from western Africa) magisterské studium, specializace Genetika volně žijících živočichů, Katedra zoologie, Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta (téma diplomové práce – Karyotypy vybraných druhů drobných savců západní Afriky)
2001 – 2002	MSc. Study, Faculty of Pedagogics – University of J. E. Purkyně in Ústí nad Labem (Czech language and literature for the lower secondary level and secondary schools) Pedagogická fakulta UJEP v Ústí nad Labem (Učitelské studium českého jazyka a literatury pro 2. stupeň ZŠ a SŠ)

Pedagogická činnost/Teaching:

2011, 2012	participation in the seminar „Genetic Methods in Zoology“; Department of Zoology, Charles University in Prague účast na praktiku „Genetické metody v zoologii“; Katedra zoologie, Univerzita Karlova v Praze
------------	---

Research fellowships/Zahraniční stáže:

- 2009 three-week-stay at the University of York (phylogeny of certain vespertilionid taxa)
třítýdenní stáž na Univerzitě v Yorku (fylogenetika vybraných vespertilionidních taxonů)
- 2005 month-stay at the University Duisburg-Essen (karyotypes of the family Bathyergidae)
měsíční stáž na Univerzitě Duisburg-Essen (karyotypy čeledi Bathyergidae)

Grants/Granty:

- 2010 – 2012 principal investigator of the project GAUK (Grant Agency of the Charles University) No. 6110 – Phylogeny of vespertilionid bats with a focus on the tribes Pipistrellini, Nycticeiini and Vespertilionini and certain species from western Africa
hlavní řešitelka grantového projektu GAUK (Grantová agentura Univerzity Karlovy) č. 6110 – Fylogeneze netopýrů z čeledi Vespertilionidae se zaměřením na triby Pipistrellini, Nycticeiini a Vespertilionini a vybrané druhy západní Afriky

Publications/Publikace:

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Koubek, P, Zima, J. Hidden diversity in Senegalese bats and associated findings in the systematics of the family Vespertilionidae. Front Zool (*submitted*)

Arslan, A, Zima, J, **Koubínová, D**, Yorulmaz, T, Toyran, K, Gözütok, S. Karyotypes of three gerbil species of the genera

Tatera and *Gerbilliscus* from Turkey and Senegal. North-west J Zool 9: art. 131701. (*in press*)

Kryštufek, B, Vohralík, V, Zima, J, **Koubínová, D**, Bužan, EV, 2010. A new subspecies of the Iranian Vole, *Microtus irani* Thomas, 1921, from Turkey. Zool Middle East, 50:11-20.

Koubínová, D, Sreepada, KS, Koubek, P, Zima, J, 2010. Karyotypic variation in rhinolophid and hipposiderid bats (Chiroptera: Rhinolophidae, Hipposideridae). Acta Chiropterol, 12(2):393–400.

Sreepada, KS, **Koubínová, D**, Konečný, A, Koubek, P, Ráb, P, Rábová, M, Zima, J, 2008: Karyotypes of three species of molossid bats (Molossidae, Chiroptera) from India and western Africa. Folia Zool, 57(4):347–357.

Selected conference presentations/Vybrané konferenční příspěvky:

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Eliášová, K, Zima, J, 2012. Molecular phylogeny of selected species of *Pipistrellus*-like and other selected vespertilionid bats. In: 18th EMPSEB (European Meeting of PhD Students of Evolutionary Biology). September 25-30, 2012, Virrat, Finland, p 79.
(oral presentation/přednáška)

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Eliášová, K, Zima, J, 2012. Molecular phylogeny of *Pipistrellus*-like bats and other selected vespertilionid taxa. In: 16th EBM (Evolutionary Biology Meeting) at Marseilles. September 18-21, 2012, Marseilles, France, p 158.

(poster presentation)

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Eliášová, K, Zima, J, 2011. Molecular and cytogenetic phylogeny of selected species of vespertilionid bats. In: Schumann, A, Seet S, Jewgenow, K, Hofer, H (eds), 8th International Conference on Behaviour, Physiology and Genetics of Wildlife. September 14-17, 2011, Berlin, Germany, p 94.

(poster presentation)

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Zima, J, 2011. Phylogenetic relationships of selected vespertilionid bats from tribes Pipistrellini, Nycticeiini and Vespertilionini. In: SymBioSE (Symposium of Biology Students in Europe) abstract booklet. July 27 – August 6, 2011. Basel, Switzerland, p 32.

(oral presentation/přednáška)

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Zima, J, 2011. Phylogeny of some vespertilionid bats from Western Africa, Senegal-comparison of molecular and cytogenetic approach. In: Hutson, AM, Lina, PHC (eds), XII European Bat Research Symposium. Programme. Abstracts. List of Participants. August 22 – 26, 2011, Vilnius, Lithuania, pp 73–74.

(poster presentation)

Koubínová, D, Irwin, N, Hulva, P, Zima, J, 2010. Genetic diversity of vespertilionid bats from Western Africa - preliminary results. In: Horáček, I, Benda, P (eds), 15th IBRC (International Bat Research Conference) – the conference manual: Programme, abstracts, list of participants. August 23-27, 2010, Prague, Czech Republic, pp 196–197.

(poster presentation)